

সংকলন



জাতীয় মৎস্য সপ্তাহ ২০২০

২১-২৭ জুলাই

মাছ উৎপাদন বৃদ্ধি করি
মুখ্য অমৃদ্ধ দেশ গড়ি



মৎস্য অধিদপ্তর
মৎস্য ও প্রাণিসম্পদ মন্ত্রণালয়



অ্যাকোয়াটিক প্যাথোজেন শনাক্তকরণে সমগ্র জিনোম সিকোয়েন্সিং এর ব্যবহার Application of Whole Genome Sequencing to Detect Aquaculture Pathogen

শাওন আহমেদ^১, মোঃ মোস্তাভি দীনান দীশিক^২ ও ড. মোহাম্মদ শামসুর রহমান^৩

Abstract

Aquaculture is the fastest growing food producing sector in the world and has been recognized for its potential to alleviate poverty and economic welfare. This promising industry has been badly affected due to severe disease outbreaks like TilVD, WSSV, AHPND etc. Moreover, lack of appropriate tools to detect the pathogens and track their origins represent a key challenge to the management of infectious diseases. Accurate identification of the pathogens is needed for efficient and timely management of aquatic animal health. But, it is difficult to detect and characterize pathogenic organisms with the age-old traditional methods. Recent advances in DNA sequencing such as next generation sequencing (NGS) have provided a new tool for aquatic pathogen detection known as whole genome sequencing (WGS). This technology offers the scope to reveal detailed information about a pathogen's genetic structure and virulence characteristics. Recently, Aquatic Animal Health Group of Department of Fisheries, University of Dhaka detect and characterize AHPND positive *Vibrio parahaemolyticus* strains from shrimp (*Penaeus monodon*) of south-west Bangladesh through WGS. Application of WGS to detect aquaculture pathogens has many advantages and implementation challenges. By overcoming those challenges, WGS could be a dynamic step permitting implementation of evidence-based biosecurity to minimize disease impact.

সমগ্র জিনোম হলো একটা জীবের সকল জিনের সিকোয়েন্স। একটি জীবের সমস্ত তথ্য তার সমগ্র জিনোমের মধ্যে লিপিবদ্ধ থাকে। ১৯৯৫ সালে প্রথম ব্যাকটেরিয়ার জিনোম সিকোয়েন্সিং করা হয় স্যাঙ্গার সিকোয়েন্সিং (Sanger sequencing)-এর মাধ্যমে এবং তখন থেকে ব্যাকটেরিয়োলজিতে জিনোমিক যুগের সূচনা হয়। পরবর্তীতে ২০০৫ সালে প্রথম High Throughput সিকোয়েন্সিং শুরু হয় এবং এর মাধ্যমে সিকোয়েন্সিং প্রক্রিয়াটি অনেক সহজতর ও স্বল্পমূল্যে করা সম্ভব হয়। ব্যাকটেরিয়াল গবেষণায় এ উন্নত প্রযুক্তি এবং বাস্তবধর্মী সিকুয়েন্সের আবির্ভাব এর ফলে অণুজীব বিজ্ঞানীরা অনেক অল্প খরচে এবং সহজেই রোগবিস্তার সংক্রান্ত গবেষণা সম্পন্ন করতে পেরেছেন এবং বিভিন্ন প্যাথোজেন/জীবাণু দ্বারা সংক্রমণগুলোকে সহজেই শনাক্ত করতে পেরেছেন। সমগ্র জিনোম সিকোয়েন্স খুবই বিশ্বাসযোগ্য মাধ্যম হিসেবে চিহ্নিত হয়েছে যার মাধ্যমে কোনো জীবাণু দ্বারা সংগঠিত রোগ, রোগ সৃষ্টি করার ক্ষমতা, তীব্রতা (virulence) এবং বিবর্তনের প্রবণতা পরীক্ষা করা সম্ভব।

নেক্সট জেনারেশন সিকোয়েন্সিং (Next Generation Sequencing- NGS)

জিনোমিক সাইন্সে সব থেকে চমকপ্রদ আবিষ্কার হচ্ছে নেক্সট জেনারেশন সিকোয়েন্সিং (Next Generation Sequencing - NGS) প্রযুক্তি উদ্ভাবন। এটি এমন একটি প্রক্রিয়া যার মাধ্যমে কোনো জীবের সমগ্র জিনোমের সুনির্দিষ্ট ক্রমানুসারে নিউক্লিওটাইড বেইজ নির্ণয় করা হয়। জিনোমিক তথ্যগুলো ব্যাখ্যা করা হয় বায়োইনফরমেটিক্স এর মাধ্যমে। বায়োইনফরমেটিক্স-এর মূল লক্ষ্য হলো বায়োলজিক্যাল ডাটা বিশ্লেষণ করার জন্য কম্পিউটার ব্যবহার করা এবং ডাটা ব্যবস্থাপনা করার জন্য কিছু তথ্যপ্রযুক্তিগত টুলস ব্যবহার করা। প্রধান তিনটি কোম্পানি আছে যারা এই বৃহৎ নেক্সট জেনারেশন

সিকোয়েন্সিং করে থাকে। যথা-

১. ৪৫৪ পাইরোসিকোয়েন্সিং (রোচ)
২. সোলেক্সা (ইলুমিনা)
৩. সোলিড/আয়ন টরেন্ট (জোয়াইন ডি পায়োসিস্টেম)

১৯৯৫ সালে প্রথম ব্যাকটেরিয়ার সমগ্র জিনোম সিকোয়েন্সিং-এর পর সিকোয়েন্সিং প্রযুক্তি অতি দ্রুত উন্নতি লাভ করেছে। যেখানে সেকেন্ড জেনারেশন সিকোয়েন্সিং-এর মাধ্যমে ব্যাকটেরিয়ার সমগ্র জিনোম সিকোয়েন্স করতে কয়েক ঘণ্টা সময় লাগত, সেখানে থার্ড জেনারেশন সিকোয়েন্সিং প্রযুক্তির মাধ্যমে আরও দীর্ঘতম রিড এবং অতিরিক্ত তথ্য যেমন মিথাইলেশন সাইট পাওয়া যায় আরও দ্রুতগতিতে ও স্বল্প সময়ে। ইলুমিনা সিকোয়েন্সিং প্ল্যাটফর্ম-এ ও ফ্লোরোসেন্টলি লেবেলড (fluorescently labeled) নিউক্লিওটাইড (deoxy ribonucleotide triphosphate, dNTPs) ব্যবহার করে ডিএনএ খণ্ডের জেনেটিক সিকোয়েন্স নির্ণয় করে। ইলুমিনা-এর তিনটি মডেল সিরিজ আছে; যথা:-

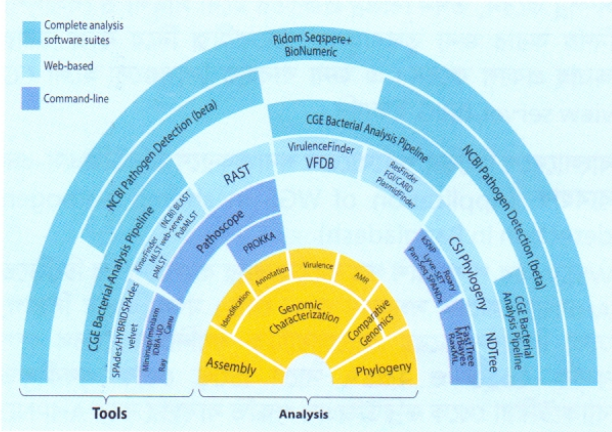
- (১) MiniSeq (সবচেয়ে ছোট এবং সাশ্রয়ী Illumina সিকোয়েন্সার);
- (২) MiSeq (অতিদ্রুত সিকোয়েন্সিং করার জন্য সব থেকে সহজ পদ্ধতি যেখানে তুলনামূলকভাবে কম আউটপুট পাওয়া যায়); এবং
- (৩) Next Seq (মাঝারি আকারের সহজলভ্য পদ্ধতি যেখানে অধিক আউটপুট প্রাপ্তির সুযোগ রয়েছে)।

সমগ্র জিনোম সিকোয়েন্স বিশ্লেষণের জন্য প্রয়োজনীয় বিভিন্ন টুলস (WGS analysis tools)

সিকোয়েন্স রিড থেকে প্রয়োজনীয় জিনোমিক তথ্য নিষ্কাশন করার জন্য কতগুলো ধাপ ব্যবহার করা হয়। সিকোয়েন্সিং মেশিন থেকে প্রাপ্ত ছোট খণ্ড খণ্ড রিডগুলোকে একসাথে যুক্ত করে বড় কনটিগ তৈরি করার জন্য প্রথমত একত্রিতকরণের



টুলস ব্যবহার করা হয়। এ দীর্ঘ কনটিগগুলো পরবর্তীতে প্রক্রিয়াজাতকরণের মাধ্যমে সমগ্র সিকোয়েন্স হিসেবে তৈরি করা হয়। একত্রিত সিকোয়েন্স থেকে বায়োইনফরমেটিক্স টুলস ব্যবহার করার মাধ্যমে জিনোমের বৈশিষ্ট্য প্রদান করা হয়। এ জিনোম চরিত্রাঙ্কন করা হয় নমুনা থেকে ব্যাকটেরিয়া পৃথক করে চিহ্নিত করা, জিনগুলো ব্যাখ্যা করা, রোগবিস্তার সম্পর্কিত জিনগুলোকে চিহ্নিত করা; যেমন- অ্যান্টিমাইক্রোবিয়াল রেজিস্ট্যান্স (AMR) এবং রোগবিস্তার সৃষ্টি করার ক্ষমতাসম্পন্ন (virulence) জিনগুলো শনাক্তকরণের মাধ্যমে।



চিত্র: ডব্লিউজিএস পদ্ধতি ব্যবহার করে রোগের প্রাদুর্ভাব বিশ্লেষণের জন্য প্রয়োজনীয় বিভিন্ন টুলস

আউটব্রেক স্ট্রেইনগুলোর মধ্যে সম্পর্ক আছে কিনা তা জানার জন্য এবং স্ট্রেইনগুলোর উৎস খুঁজে বের করার জন্য কম্প্যারিটিভ জেনোমিক্স-এর মাধ্যমে স্ট্রেইনগুলোর মধ্যে সাদৃশ্য ও বৈসাদৃশ্য নির্ণয় করা হয়। এভাবে তথ্য বিশ্লেষণ করে ফাইলোজেনেটিক (phylogenetic) টুলস-এর মাধ্যমে ব্যাকটেরিয়াল প্যাথোজেন ট্রান্সমিশনের বিস্তারিত নেটওয়ার্ক (network) তৈরি করা হয়; যা রোগ শনাক্তকরণ ও সমাধানে সহযোগী ভূমিকা রাখতে পারে।

ইন্টারনেটের মাধ্যমে পরিচালিত টুলস (Web-based tools)

ইন্টারনেটের মাধ্যমে ওয়েব-বেইজড টুলসগুলোতে প্রবেশ করা যেতে পারে। সিকোয়েন্সিং উপাত্ত এবং স্থায়ী ইন্টারনেট কানেকশনের মাধ্যমে প্রতিনিয়ত এ ওয়েব-বেইজড টুলস ব্যবহার করে গুরুত্বপূর্ণ জিনোমিক তথ্য লাভ করা যায়। ওয়েব-বেইজড টুলস ব্যবহারের অসুবিধা হলো দুর্বল ইন্টারনেট কানেকশন অথবা সার্ভার ব্যর্থতার কারণে তথ্য বিশ্লেষণের সময় ওয়েব-বেইজড টুলস-এর ব্যবহার অসম্ভব হয়ে যায়। ফলে গবেষক যখন ওয়েব-বেইজড টুলস-এর ওপর নির্ভর করে তখন দুর্বল নেটওয়ার্কের কারণে ফলাফল পেতে অনেক সময়ের প্রয়োজন হতে পারে। সামগ্রিকভাবে অনিরাপদ সার্ভার নিয়ে ওয়েব-বেইজড টুলস ব্যবহারের কারণে গুরুত্বপূর্ণ তথ্য সম্পর্কিত সার্বক্ষণিক ঝুঁকির মধ্যে থাকতে হয়।

কমান্ড লাইনের মাধ্যমে পরিচালিত টুলস (Command-line tools)

প্রায় সমস্ত জিনোম সিকোয়েন্স ও ব্যাকটেরিয়াল প্যাথোজেন বিশ্লেষণ টুলস কমান্ড লাইনে আয়ত্তাধীন এবং এ টুলসগুলো

বিনা খরচে ব্যবহার করা যায়। কমান্ড লাইনবেইজড টুলস ব্যবহার করার জন্য দক্ষ বায়োইনফরমেটিশিয়ানসহ ইউনিক্স-বেইজড কম্পিউটার প্রয়োজন। কমান্ড-লাইন বেইজড টুলস-এর সন্তোষজনক ব্যবহারের জন্য লিনাক্স ইনস্টলেশন বাঞ্ছনীয়। এছাড়া উইন্ডোজ-১০ সমৃদ্ধ কম্পিউটারের উইন্ডোজ সাব-সিস্টেম অব লিনাক্স ইনস্টল করেও টুলস ব্যবহার করা সম্ভব। বায়োইনফরমেটিক্সের মাধ্যমে তথ্য বিশ্লেষণের ক্ষেত্রে কিছু কিছু কমান্ড-লাইন বেইজড টুলস-এর জন্য উন্নত কনফিগারেশন সমৃদ্ধ কম্পিউটার যেমন মাল্টিপল কোর এবং শতশত গিগাবাইট র‍্যাম প্রয়োজন হয়। সুতরাং উন্নত কনফিগারেশন যুক্ত কম্পিউটার ব্যবহার করা উত্তম।

সম্পূর্ণ সফটওয়্যার প্যাকেজ (Complete analysis software suits)

গ্রাফিক্যাল ইউজার ইন্টারফেস (graphical user interface-GUI) ব্যবহার করে যাদের খুবই অল্প অথবা ন্যূনতম বায়োইনফরমেটিক্স জ্ঞান নেই তারা সম্পূর্ণ সফটওয়্যার প্যাকেজ ব্যবহার করে জিনোমিক তথ্য বিশ্লেষণ করতে পারেন। কিছু প্যাকেজ আছে যেখানে ডব্লিউজিএস-এর শুধুমাত্র অল্প কিছু ধাপ বিশ্লেষণ করা যায় কিন্তু অন্যান্য বেশির ভাগ প্যাকেজের মাধ্যমে মোটামুটি সব ধাপগুলোই বিশ্লেষণ করা সম্ভব শুধুমাত্র একটা স্যুট (suit) ব্যবহার করে। একটি উন্নত কনফিগারেশনযুক্ত কম্পিউটার (মাল্টিপল কোর এবং শতশত গিগাবাইট র‍্যাম) ব্যবহার করে সর্বোচ্চ আউটপুট পাওয়া যায়। ব্যাকটেরিয়াল প্যাথোজেনের সমগ্র জিনোম সিকোয়েন্স নির্ণয়ের জন্য ওয়েব-বেইজড টুলস, কমান্ড লাইনবেইজড টুলস এবং কমপ্লিট অ্যানালাইসিস সফটওয়্যার স্যুটস ব্যবহারের বিস্তারিত বর্ণনা নিম্নে দেয়া হলো:

১. জিনোম একত্রিকরণ

যখন সিকোয়েন্সিং-এর ফলে ডিএনএ পৃথক সিকোয়েন্স রিড হিসেবে ছোট ছোট FASTQ ফরম্যাটে রিড প্রদান করে, তখন এসেমব্লি অ্যালগরিদম-এর সাহায্যে ছোট রিডগুলোকে জোড়া লাগানো হয় যা ধীরে ধীরে একটা সমগ্র জিনোমের রূপ লাভ করে। এ কনটিগগুলোকে রেফারেন্স জিনোমের সাথে তুলনা করে কনটিগ সিকোয়েন্সগুলোর মধ্যে পার্থক্য খুঁজে পাওয়া যায়, যেটা একত্রিকরণের ত্রুটি অথবা জীবতাত্ত্বিক পার্থক্যের কারণে হতে পারে। ডব্লিউজিএস বিশ্লেষণের জন্য জিনোম একত্রিকরণ হচ্ছে সব থেকে গুরুত্বপূর্ণ ধাপ এবং এ ধাপের জন্য উন্নতমানের কম্পিউটার বাধ্যতামূলক। একত্রিকরণ করার জন্য বেশির ভাগ টুলস কমান্ড-লাইনে পাওয়া যায়। কিন্তু অল্প কিছু টুলস আছে যেগুলো ওয়েব-বেইজড ইন্টারফেসে পাওয়া যায়। সিকোয়েন্সিং-এর সময় অনেক ভেরিয়েবিলিটিজের কারণে যেমন ডিএনএ পৃথকীকরণের পদ্ধতি, লাইব্রেরি তৈরির প্রটোকল, সিকোয়েন্সিং প্রযুক্তি, সিকোয়েন্সিং মেশিনের কার্যকারিতা এবং সিকোয়েন্সিং-এর জন্য যে কিট ব্যবহার করা হয় তার জন্য সব থেকে ভালো একত্রিকরণ টুলস শনাক্ত করা কষ্টকর হতে পারে।

২. জিনোমের চরিত্রাঙ্কন/বৈশিষ্ট্য প্রদান

যখন সিকোয়েন্স রিডগুলোকে সন্নিবেশ করার পর একটা কনটিগস-এর সেটে রূপান্তর করা হয় তখন যেকোনো গবেষকের যে কাজটি করতে হয় তা হচ্ছে সিকোয়েন্সকৃত



ব্যাকটেরিয়াল আইসোলেটগুলোকে পৃথক করা এবং রোগবিস্তার সম্পর্কিত একটি প্রোফাইল তৈরি করা। সিকোয়েন্সকৃত আইসোলেট কোন কোন জিন বহন করে তার ওপর ভিত্তি করে এ রোগবিস্তার সম্পর্কিত প্রোফাইল (epidemiological profile) তৈরি করা হয়। সমগ্র জিনোম সন্নিবেশ করার পর কতগুলো প্রশ্ন তৈরি করতে পারে:

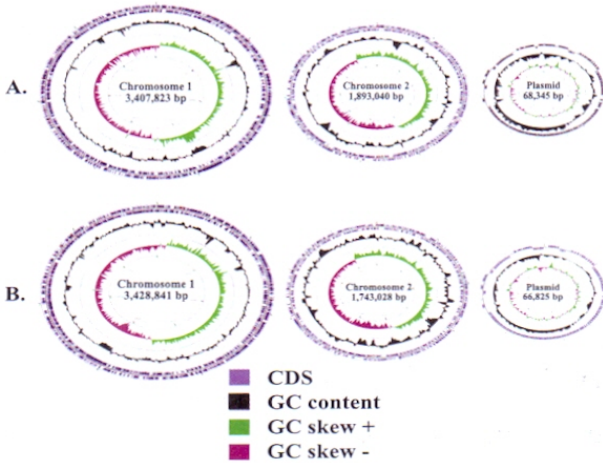
- (১) সিকোয়েন্সকৃত আইসোলেটটি কোন ব্যাকটেরিয়াল প্রজাতি?
- (২) জিনোমটি কোন কোন জিন বহন করে অথবা জিনগুলোর রোগ ছড়ানোর ক্ষমতা (virulence) আছে কিনা; এবং
- (৩) তারা বিভিন্ন অ্যান্টিবায়োটিকের প্রতি রেজিস্ট্যান্স কিনা? জিনোম চিহ্নিতকরণ টুলসগুলোর মাধ্যমে এসব প্রশ্নের সমাধান করা সম্ভব রেফারেন্স ডাটাবেইজের বিভিন্ন জানা জিন এবং রেফারেন্স জিনোমের কনটিগস-এর সাথে তুলনা করার মাধ্যমে।

৩. ব্যাকটেরিয়ার প্রজাতি চিহ্নিতকরণ

প্রথম প্রশ্নটা সমাধান করার জন্য (What is the species of the sequenced isolate?) বিভিন্ন চিহ্নিতকরণ সফটওয়্যার ব্যবহার করা হয়। চিহ্নিতকরণ টুলসগুলো দ্বারা অপরিশোধিত সিকোয়েন্স রিড অথবা কনটিগস ব্যবহার করে সিকোয়েন্সকৃত ব্যাকটেরিয়ার প্রজাতি চিহ্নিতকরণ সম্ভব।

৪. জিনোমের ব্যাখ্যায়ন/অ্যানোটেশন

অ্যানোটেশন টুলসগুলো দ্বিতীয় প্রশ্নের উত্তর (Which genes are contained in the genome and do they infer virulence or AMR?) প্রদান করে সন্নিবেশকৃত কনটিগসগুলো থেকে জিনগুলো বিশ্লেষণ করার মাধ্যমে। নতুন অ্যান্টিবায়োটিক রেজিস্ট্যান্স জিন অথবা নতুন রোগ সৃষ্টিকারী জিন থেকে শুরু করে ইফ্লাক্স পাম্প (efflux pump) নির্ণয়ে অ্যানোটেশন টুলস-এর বহুল ব্যবহার রয়েছে এবং এর মাধ্যমে জিন সম্পর্কে বিস্তারিত জ্ঞান লাভ করা যায়। যার মাধ্যমে রোগের প্রাদুর্ভাব নির্ণয়ের জন্য প্যাথোজেন সম্পর্কে আরও ভালোভাবে



চিত্র: চিংড়ি থেকে পৃথকীকৃত AHPND পজিটিভ *Vibrio parahaemolyticus* স্ট্রেন MSR16(A) ও MSR17 (B) এর জিনোম এর ক্রোমজোম-১, ২ ও প্লাজমিড-এর বৈশিষ্ট্যসমূহ

জানা সম্ভব। বিভিন্ন জিনের রোগ ছড়ানোর ক্ষমতা নির্ণয় করার টুলস ব্যবহার করে জিনোম চিহ্নিতকরণের দ্বিতীয় প্রশ্নের উত্তর প্রদান সম্ভব। ব্যাকটেরিয়ার সমগ্র জিনোম থেকে রোগবিস্তার সংক্রান্ত জিনগুলো নির্ণয়ের জন্য ব্যবহৃত টুলসগুলো হলো ভিরুলেন্স ফাইন্ডার (Virulence Finder), ভিএফডিবি (VFDB) ইত্যাদি।

৫. তুলনামূলক জেনোমিক্স

যখন একজন গবেষক সিকোয়েন্স সন্নিবেশ করার পর কনটিগস তৈরি এবং ডব্লিউজিএস ডাটা এর চিহ্নিতকরণ সম্পন্ন করেন, তখন বিভিন্ন প্রজাতির মধ্যে সাদৃশ্য ও বৈসাদৃশ্য নির্ণয় করার জন্য তুলনামূলক জেনোমিক্স নিয়ে কাজ করার আগ্রহ প্রকাশ করেন। এ জন্য ব্যবহৃত টুলসগুলো হলো CG view server, BRIG ইত্যাদি।

বাংলাদেশে চিংড়ির প্যাথোজেন শনাক্তকরণে ডব্লিউজিএস-এর ব্যবহার (Application of WGS in shrimp pathogen detection in Bangladesh)

WSSV-এর পাশাপাশি গত কয়েক বছর বাংলাদেশের চিংড়িতে AHPND রোগের সংক্রমণ দেখা দেয়। মৎস্যবিজ্ঞান বিভাগ, ঢাকা বিশ্ববিদ্যালয়ের অ্যাকোয়াটিক অ্যানিমেল হেলথ গ্রুপ কর্তৃক ২০১৬ ও ২০১৭ সালে চিংড়ি থেকে পৃথকীকৃত ব্যাকটেরিয়া থেকে ডব্লিউজিএস পদ্ধতি ব্যবহার করে AHPND পজিটিভ *Vibrio parahaemolyticus* শনাক্ত করেন। অধিকন্তু বিভিন্ন বায়োইনফরমেটিক্স টুলস ব্যবহার করে ব্যাকটেরিয়াটির গাঠনিক ও প্যাথোজেনিক বৈশিষ্ট্যসমূহ নিরূপণ করা হয়। গবেষণাটি বিখ্যাত BMC Microbiology জার্নালে ২০১৯ সালে প্রকাশিত হয়।

সারণি: ২০১৬ ও ২০১৭ সালে চিংড়ি থেকে পৃথকীকৃত AHPND পজিটিভ *Vibrio parahaemolyticus* এর জিনোমের বৈশিষ্ট্যসমূহ

| Features | VP _{AHPND} MSR16 | VP _{AHPND} MSR17 |
|-----------------|---------------------------|---------------------------|
| Contigs | 108 | 66 |
| Largest contigs | 1892806 | 1742619 |
| Total length | 5393740 | 5241592 |
| GC (%) | 45.09 | 45.19 |
| CDS | 4909 | 4689 |
| Gene | 5090 | 4854 |
| tRNA | 119 | 109 |
| misc_RNA | 51 | 45 |
| rRNA | 10 | 10 |
| tmRNA | 1 | 1 |

সূত্র: Ahmmed et al. (২০১৯), BMC Microbiology, ১৯ঃ২৭০

উপসংহার (Conclusion)

অ্যাকোয়াটিক প্যাথোজেন শনাক্তকরণে সমগ্র জিনোম সিকোয়েন্সিং-এর ব্যবহারের ক্ষেত্রে অত্যাধুনিক জ্ঞান বায়োইনফরমেটিক্সের দক্ষতা অপরিহার্য। এ পদ্ধতি ব্যবহারের সুবিধা অনেক; যেমন- প্যাথোজেনিক স্ট্রেনকে নির্ভুলভাবে শনাক্তকরণ। রোগ শনাক্তকরণে ডব্লিউজিএস-এর প্রয়োগ অদূর ভবিষ্যতে বাংলাদেশের জলজ প্রাণীর স্বাস্থ্য ব্যবস্থাপনায় যুগান্তকারী পদক্ষেপ হিসেবে বিবেচিত হবে।

^১ বৈজ্ঞানিক কর্মকর্তা, বাংলাদেশ মৎস্য গবেষণা ইনস্টিটিউট, লোনাপানি কেন্দ্র, পাইকগাছা, খুলনা (ইমেইল: shawon.ahmmed.du@gmail.com)

^২ লেকচারার, মৎস্যবিজ্ঞান বিভাগ, ঢাকা বিশ্ববিদ্যালয়

^৩ প্রফেসর, মৎস্যবিজ্ঞান বিভাগ, ঢাকা বিশ্ববিদ্যালয়

MOHAMMAD SHAMSUR RAHMAN, PhD
PROFESSOR
DEPARTMENT OF FISHERIES
UNIVERSITY OF DHAKA
DHAKA-1000, BANGLADESH